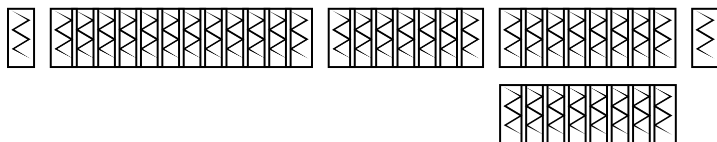
VISIT…

LANZAROTE
Caliente.COM



Кандидат биологических наук, преподаватель Заокского адвентистского университета Олег Трифонов рассказывает о схожести генома человека и животных, геологической колонке и о принципах креационистских исследований.

У человека 802 гена обонятельных рецепторов. Из них 52% являются псевдогенами. Большая часть псевдогенов имеют ту же мутацию, что и у шимпанзе. Зачем Богу создавать гены с теми же повреждениями, что и у животных, стоящих рядом в дарвиновском "древе жизни"? Как несколько видов приматов и человек имеют одну и ту же последовательность несколько раз мутировавшего неактивного гена?

Здесь всё намного сложнее. Дело в том, что в науке активно разрабатывается теория т.н. универсального генома, то есть отмечено поразительное сходство генетических комплексов у совершенно разных животных, например, *hox-генов*. Эти гены ответственны за пространственное распределение органов. Они как бы размечают пространство вдоль оси эмбриона, указывая место размещения органа.

Мутационные нарушения в этих генах вызывают уродства: ошибочное размещение органов. Например, у дрозофил конечность появляется на голове или отрастает вторая пара крыльев. Последовательность нуклеотидов в каждом конкретном типе hox-генов идентична у разных типов животных, несмотря на то, что органы, которые они распределяют, различные. А ведь это полностью противоречит эволюционной модели развития живого мира.

Согласно Дарвину, существуют, по крайней мере, две основных ветки эволюции: одна — первичноротые организмы, заканчивающаяся членистоногими, и другая — вторичноротые организмы, заканчивающаяся хордовыми и человеком; при этом утверждается, что эти ветки разошлись примерно на уровне очень примитивных червей.

Как же получилось, что и у хордовых, и у членистоногих функционально аналогичные системы органов управляются одинаково. Например, функционально сходные крылья насекомых и птиц (появившиеся, в соответствии с концепцией Дарвина, совершенно независимо друг от друга) контролируются одинаковыми способами — хотя при этом у их общего предка, червей, не было вообще никаких крыльев и, соответственно, механизма управления ими.

У червей, предполагаемых общих предков хордовых и членистоногих, не было глаз — и, следовательно, по теории Дарвина, глаза у хордовых и глаза у членистоногих также возникли независимо друг от друга. Тем не менее, ген, включающий развитие глаза у хордовых и членистоногих, практически один и тот же, он называется *pax 6*.

В эксперименте слепым мухам с мутацией в этом гене внедрили в ногу аналогичный ген-выключатель, ответственный за развитие глаза у мышей, в результате чего мышиный ген-выключатель вызвал у мухи на ноге (в месте внедрения гена) развитие нормального глаза мухи. Необходимо отметить, что глаза млекопитающих во многом принципиально отличны от глаз мух. Но при этом оказалось, что программы развития этих морфологически отличных, но функционально сходных органов, — включаются одним и тем же способом! Трудно представить себе, как вообще можно было бы объяснить этот факт в рамках концепции дарвинизма.

Кроме этого, у hox-генов обнаружена ещё одна поразительная особенность. Исследования показали, что последовательность этих генов на хромосоме в точности соответствует порядку развития сегментов, которые они кодируют (т.е. они выстроены на хромосоме в точном порядке «от головы до хвоста» животного). Такая система расположения генов в хромосоме никак не объясняется концепцией Дарвина, в представлении которой различные элементы возникали в случайной последовательности. Более того, эта последовательность не следует ни из каких известных соображений строения хромосом и генетики вообще.

Помимо hox-генов, обращает на себя внимание семейство *wnt-генов*. Эти гены ответственны за выработку сигнала, побуждающего те или иные клетки к делению и формированию соответствующих тканей. Семейство wnt-генов у млекопитающих можно сгруппировать в 12 подсемейств. Каково же было удивление учёных, обнаруживших 11 из этих подсемейств у полипа Nematostella vectensis, в точности соответствующих подсемействам генов млекопитающих.

Еще один интересный случай аналогичной генной регуляции функционально сходных структур у двух разных организмов мы можем видеть на примере механизма формирования речи человека и механизма обучения птиц пению. Нейробиологи обнаружили, что один и тот же ген *fox P2* является ключевым компонентом как певческих способностей у птиц, так и формирования речи у человека.

Особенность и подобие человеческой речи и пения птиц состоит в том, что им необходимо обучаться (человек не рождается уже умеющим говорить, он учится этому от других людей в процессе взросления, и также птицы учатся петь одна у другой) — и оказалось, что эта обучаемость в обоих случаях зависит от гена fox P2 (и если он повреждён, то данная особь — необучаема).

Интересно отметить, что ген fox P2 имеется не только у человека и птиц, но он найден и у многих других животных, включая, например, даже таких молчунов, как крокодилы. Однако у поющих птиц и у человека этот ген активно включается в определённой зоне мозга, зоне Брока, в то время как у неговорящих и непоющих животных этот ген хотя и имеется, но в зоне Брока не функционирует. И ещё раз отметим, что ни у общих предков, ни даже у близких видов никакой похожей функции не существует.

Комментируя вышеприведённые данные, генетик и биохимик из Бостонского университета, профессор М. Шерман пишет: «Таким образом, мы сталкиваемся с проблемой возникновения новых сходных качеств в параллельных ветвях эволюции, которых не было у общего предка, и эти качества контролируются одним и тем же образом. Всё это наводит на мысль, что подобные качества и функции “внедрены” в организмы заранее, хотя они и никак не проявляли себя у их общих предков». Объяснить появление такого полного собрания генетических текстов, полагает Шерман, можно только «сверхъестественным вмешательством», когда организмы получили «универсальный геном».

Всё это можно отнести и к вашему вопросу если гены общие, то ничего удивительного в том, что возникают и сходные мутации. У человека насчитывается около 5 000 мутаций. И они повторяются у людей, не связанных родством. И никто не говорит, все родившиеся на земле дауны родственники. Нет, одни и те же мутации возникают независимо.

Гены шимпанзе и человека расположены хаотично, но в одинаковой последовательности. Сходство ДНК человека и шимпанзе по составу генов 98,5%. Не должен ли человек по сходству ДНК хоть немного больше отличаться от шимпанзе, чем шимпанзе от орангутана?

Образ Бога проявляется не в химическом составе тела. На самом деле в целом ДНК шимпанзе и человека идентичны на 70%. 98,5% — это идентичность только части генома, да и то, завышенная.

Эндогенные ретровирусы очень похожи на геномы ретровирусов. Мы можем наблюдать, как новые ЭРВ образуются после того, как вирус заражает клетку?

Ретровирусы животных встраиваются только в один определенный участок генома во всех зараженных клетках. Хотя известно четыре ретровируса, патогенных для человека (Т-лимфотропный вирус человека типа 1, Т-лимфотропный вирус человека типа 2, ВИЧ-1 и ВИЧ-2), которые встраиваются в клеточную ДНК случайным образом.

Как Вы объясните присутствие признаков пяти, а не одного массового вымирания и множества менее значительных вымираний в геохронологической колонке?

Геологическая колонка в глазах эволюциониста это история появления, а затем исчезновения форм. С точки зрения креациониста — только исчезновение форм (гибели во время потопа). Пояснение по поводу особенностей именно такого характера гибели см. в книге А. Роса «В начале».

Почему до сих пор не найдено ни одного млекопитающего или хотя бы позвоночного в кембрийских отложениях? Почему бы не найти и этим опровергнуть раз и навсегда теорию эволюции?

Представьте себе луг, на котором пасётся стадо бизонов. Начинает пребывать вода и все бизоны поднимаются на возвышенность, а луг затапливает. Там погибает множество малоподвижных форм (насекомые, черви, ящерицы и др). И вот представьте, пришли исследователи и говорят, что на лугу никогда не было бизонов, т.к. если бы они были, то обязательно должны остаться трупы после наводнения. Как бы вы это оценили?

Как объяснить отсутствие хотя бы малейшего перемешивания видов растений в слоях геохронологической колонки, включая окаменевшую пыльцу? Почему в слоях кембрия и докембрия вообще нет спор и пыльцы наземных растений?

Если о наличии пыльцы не написано в эволюционной литературе это не значит, что её там нет. О наличии пыльцы в докембрии писали научные журналы (например, Nature) неоднократно ещё в 60-х годах. Но с точки зрения современной эволюции этого быть не может. Поэтому публикации прекратились, считается, что пыльца — это вторичное загрязнение, поэтому о ней не упоминается.

Как могла произойти абсолютная экологическая сортировка морского планктона (радиолярии, фораминиферы, кокколитофориды и т. д.) по слоям геохронологическай колонки во время потопа, то есть ни одна радиолярия из одного слоя не попала в другой?

Всю эту информацию необходимо проверять. Действительно ли ни одна радиолярия из одного слоя не попала в другой или это такое «пожелание» и пр.

Приведу пример. Как известно по СТЭ, современные птицы появились после динозавров и произошли от них. Следовательно, никаких птиц, тем более современных, в слоях с динозаврами быть не может. Чтобы проверить, насколько это верно, доктор Карл Вернер посетил шестьдесят музеев естественной истории и десять мест раскопок динозавров в семи различных странах. При этом он расспрашивал палеонтологов, не знают ли они о случаях находки костей современных птиц вместе с костями динозавров. Ответы оказались весьма удивительными.

«Я говорил с ученым из Палеонтологического музея в Беркли, и он упомянул о костях попугая, которые были найдены ими в скальном слое мелового периода (такие слои называют «скалами динозавров»). Но эти кости не были выставлены в музее».

После каждой беседы с палеонтологами список доктора Вернера неуклонно пополнялся. Среди птиц, кости которых найдены вместе с останками динозавров, оказались попугаи, пингвины, совы, кулики, альбатросы, фламинго, гагары, утки, бакланы и шилоклювки.

Разумеется, эти данные никто не опубликует. Поэтому судить о том, что было и чего не было по статьям эволюционистов нельзя. Подобные публикации будут «зарублены» на стадии рецензирования, т.к. это не вписывается в СТЭ.

Почему до сих пор нет креационистов, получивших Нобелевскую премию за секвенирование ДНК динозавров. Эволюционисты наивно полагают, что им более 65’000’000 лет. Мы то знаем, что они жили рядом с древними людьми не раньше, чем 10’000 лет назад, а, например, ядерные геномы неардентальцев уже расшифрованы. Секвенирование хотя бы митохондриальной ДНК динозавра нанесло бы сокрушительный удар по теории эволюции.

Долгое время эволюционисты вообще отрицали возможность сохранения ДНК в костях динозавров. Но когда они были обнаружены, вынуждены были смириться. ДНК — это самая неустойчивая молекула. Сегодня мы не знаем всей ДНК даже неандертальца. Удалось расшифровать лишь 63% неандертальского генома, которые оказались идентичными современным людям на 99,84%. У динозавров обнаружены лишь небольшие фрагменты. Особого смысла в их секвенировании нет.

Есть ли среди креационистов договоренность о том, какое количество ископаемых промежуточных звеньев, и с какими характеристиками было бы достаточно, чтобы признать общность происхождения каких-либо двух видов?

Сегодня у эволюционистов имеются лишь единичные находки организмов, которые претендуют на переходные звенья (и то, как правило, в единичных экземплярах), а вот «конечные» — в огромном

количестве. Многие из претендентов на переходы «живут» несколько десятилетий, а потом опровергаются самими эволюционистами (например, археоптерикс). Вы может сами видеть, что в школьных учебниках на протяжении 50 последних лет приводятся только ископаемые лошади и всё. Почему не приводятся другие? Ведь каждый автор вправе приводить какие угодно примеры. Но дело в том, что приводить нечего. В любом случае переходных видов должно быть, как минимум в 10-100 раз больше чем описано окончательных. Причём это требование дарвинизма, а не креационизма.